COVID-19

UTANGULIZI

Katika miongo miwili iliyopita, virusi vya corona (CoVs) vimehusishwa na milipuko mikubwa ya magonjwa katika Asia ya Mashariki na Mashariki ya Kati. Ugonjwa wa kupumua mkali (SARS) na ugonjwa wa Mashariki ya Kati (MERS) vilianza kujitokeza mwaka wa 2002 na 2012, mtawalia. Hivi karibuni, virusi vipya vya corona vinavyojulikana kama severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2), vinavyosababisha ugonjwa wa corona 2019 (COVID-19), vilijitokeza mwishoni mwa mwaka wa 2019 na kuwa tishio kubwa la afya duniani, vikisababisha janga linaloendelea katika nchi na maeneo mengi.

Wahudumu wa afya kote duniani kwa sasa wanajitahidi kudhibiti milipuko ya magonjwa inayosababishwa na virusi hivi vipya vya CoV (vilivyopewa jina la awali 2019-nCoV), ambavyo vilitambuliwa kwa mara ya kwanza katika Jiji la Wuhan, Mkoa wa Hubei, China, tarehe 12 Desemba 2019. Tarehe 11 Februari 2020, Shirika la Afya Duniani (WHO) lilitangaza jina rasmi la ugonjwa huu kuwa COVID-19, unaosababishwa na virusi vya SARS-CoV-2. Kundi la kwanza la wagonjwa lilihusishwa na Soko la Baharini la Huanan, lililoko katika Kusini mwa China, huko Wuhan.

Coronaviruses (CoVs) are part of the Coronaviridae family (with the subfamily being Coronavirinae), which affects a wide range of living organisms.

Muundo wa protini ya S (Spike) wa COVID-19 umeonyesha mabadiliko ya amino asidi 27 katika sehemu ya protini yenye urefu wa amino asidi 1,273. Mabadiliko sita yapo kwenye sehemu ya RBD (amino asidi 375 hadi 528), huku mengine manne yakiwa kwenye sehemu ya RBM katika eneo la CTD la kikoa cha S1. Haijapatikana mabadiliko ya amino asidi kwenye RBM inayoungana moja kwa moja na kipokezi cha ACE2 katika virusi vya SARS-CoV. Tofauti kati ya virusi vya awali vya SARS-CoV-2 na vile vya baadaye zilionyesha mabadiliko yasiyo ya sinonimu 17, yaliyotawanyika kwenye jeni la virusi, ikiwa ni pamoja na ORF1ab (9), ORF8 (4), jeni ya spike (3), na ORF7a (1).

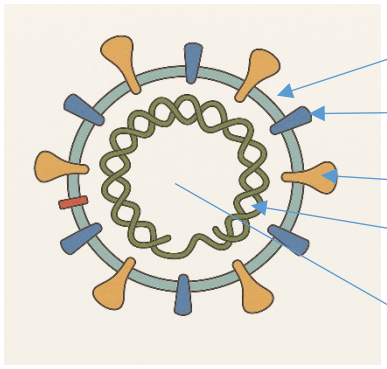
Jambo la kufurahisha ni kwamba mabadiliko haya yalionekana katika kundi la familia, yakionyesha kuwa mageuzi ya virusi yalitokea wakati wa maambukizi kati ya binadamu. Hili linaonyesha mchakato endelevu wa mageuzi yanayoendana na kuenea kwa virusi miongoni mwa wenyeji wapya. Hata ingawa hakuna mabadiliko ya kiutendaji yanayohusiana na mageuzi haya, ufuatiliaji wa karibu wa mabadiliko haya ya virusi ni muhimu.

Protini ya E

Upungufu wa protini hii umehusishwa na mabadiliko katika ukali wa virusi vya corona kutokana na tofauti katika maumbile na uwezo wa kuingia kwenye seli. Protini ya E ina sehemu tatu: sehemu fupi ya hydrophilic iliyo mbele, sehemu kubwa ya transmembrane hydrophobic, na sehemu ya mwisho ya C yenye ufanisi mkubwa. Protini ya E ya SARS-CoV-2 inaonyesha muundo sawa wa amino asidi bila mabadiliko yoyote.

Protini ya N

Protini ya N ya virusi vy Proteni ya juu ıu mengi. Inasaidia kuunda mchanganyiko na jeni ya virusi, kuwezesha mwingiliano na protini ya M wakati wa kuundwa kwa chembechembe za virusi, na kuongeza ufanisi wa uandishi wa virusi. Ina maeneo matatu yaliyohifadhiwa sana: NTD, sehemu ya kuungana na RNA (LKR), na CTD. NTD huungana na mwisho wa 3' wa jeni ya virusi, pengine kupitia mwingiliano wa umeme. LKR ina utajiri wa serine na arginine na pia huitwa eneo la SR.



LKR inaweza kuingiliana moja kwa moja na RNA na inahusika katika kuashiria seli. Pia inazuia majibu ya kinga ya mwili dhidi ya virusi kwa kufanya kazi kama mpinzani wa interferoni.

NSPs na Protini za Ziada

Mbali na protini muhimu za kimuundo, jeni la SARS-CoV-2 lina:

NSPs 15, from NSP1 to NSP10 and from NSP12 to NSP16, and

Protini 8 za ziada: 3a, 3b, p6, 7a, 7b, 8b, 9b, i ORF14.

Protini hizi zote zina jukumu maalum katika urudufishaji wa virusi. Tofauti na virusi vya SARS-CoV, SARS-CoV-2 haina protini ya 8a, lakini ina protini ya 8b ndefu zaidi na 3b fupi zaidi. Hakuna mabadiliko ya amino asidi

yaliyopatikana katika nsp7, nsp13, envelope, membrane, na protini za ziada za p6 na 8b.

Muundo wa virusi vya SARS-CoV-2 umeonyeshwa katika Mchoro wa 2.

Mlipuko wa Awali

Mlipuko wa awali wa SARS-CoV-2 ulianza nchini China, ambapo kulikuwa na vifo vingi vinavyohusishwa na COVID-19. Kufikia Mei 13, 2020, kulikuwa na visa 84,458 vilivyothibitishwa na maabara na vifo 4,644 nchini China. Hadi tarehe hiyo, visa vilivyothibitishwa vya SARS-CoV-2 vilikuwa vimeripotiwa katika zaidi ya nchi 210 duniani kote.

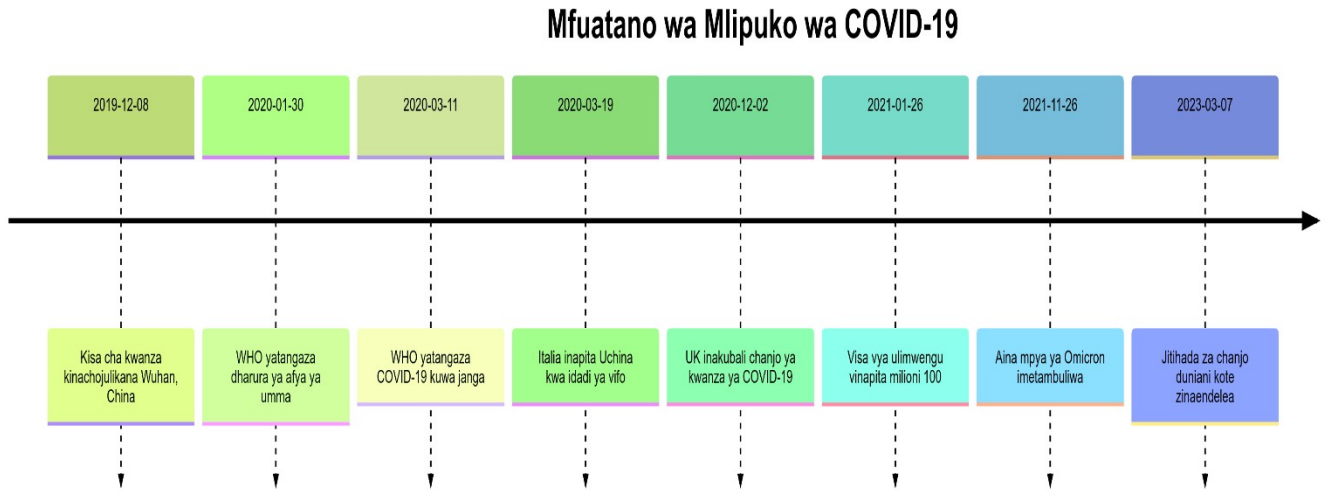
COVID-19 imeripotiwa katika mabara yote isipokuwa Antaktika. Kwa kipindi fulani, Italia ilikuwa kitovu cha wasiwasi kutokana na idadi kubwa ya visa, lakini sasa Marekani inaongoza kwa visa (1,322,054) na vifo (79,634). Uingereza pia imezidi Italia kwa visa (226,467) na vifo (32,692). Chuo Kikuu cha Johns Hopkins kilianzisha jukwaa la wavuti linalotoa taarifa za kila siku kuhusu ueneaji wa COVID-19.

COVID-19 ilithibitishwa katika meli ya kitalii iitwayo Diamond Princess, ambayo ilikuwa imewekwa karantini nchini Japani (bandari ya Yokohama), pamoja na meli nyingine za kitalii kote duniani. Matukio muhimu ya mlipuko wa virusi vya SARS-CoV-2/COVID-19 tangu Desemba 8, 2019, yanaonyeshwa kwenye Mchoro 5.

Mchoro

Muda wa matukio muhimu yaliyotokea wakati wa mlipuko wa virusi vya SARS-CoV-2/COVID-19. Mchoro unaelezea mlolongo wa matukio kuanzia Desemba 8, 2019, hadi Mei 13, 2020.

Mwanzoni, China ilikabiliwa na mzigo mkubwa wa COVID-19, ikiwa na kiwango cha juu cha maambukizi na vifo. Hata hivyo, baada ya muda, tishio la COVID-19 lilihamia Ulaya, hasa nchini Italia na Uhispania, na baadaye Marekani ikawa na visa vingi zaidi.



Katika utafiti mmoja, wastani wa idadi ya uzalianaji wa COVID-19 (R_0) ulipatikana kuwa 3.28, kiwango cha juu zaidi kuliko makadirio ya awali ya WHO ya 1.4 hadi 2.5. Ingawa bado ni mapema kupata thamani kamili ya R_0, ongezeko hili linaashiria uwezo mkubwa wa SARS-CoV-2 kuenea kwa watu walio katika hatari.

Hii si mara ya kwanza ambapo mila za upishi za China zimehusishwa na chanzo cha maambukizi mapya ya virusi vya corona kwa binadamu. Hapo awali, wanyama waliokuwa kwenye masoko ya wanyama hai walitambuliwa kama waenezaji wa kati wa mlipuko wa SARS nchini China.

Aina mbalimbali za wanyamapori zimepatikana kuwa na virusi vya corona vinavyoendelea kubadilika na kuvuka kizuizi cha spishi. Katika utamaduni wa vyakula wa Kichina, wanyama waliouwawa wakiwa hai huchukuliwa kuwa na lishe bora zaidi.

Baada ya miezi minne ya mapambano (Desemba 2019 hadi Machi 2020), hali ya COVID-19 nchini China ilionekana kuwa chini ya udhibiti. Masoko ya wanyama hai yalifunguliwa tena, na watu walianza kununua popo, mbwa, paka, ndege, nge, sungura, pangolini, bata, samaki, na hata mamba wa Siam.

Virusi vya SARS-CoV-2 vinatumia kipokezi cha ACE2 kuingia mwilini, kama ilivyo kwa SARS-CoV. Mataifa kadhaa yalitoa tahadhari kwa raia wao waliokuwa wakisafiri kuelekea China.

Ikilinganishwa na milipuko ya awali ya virusi vya corona (SARS na MERS), SARS-CoV-2 ilidhaniwa kuwa na uwezo mdogo wa kuambukiza baina ya binadamu. Hii ilitokana na idadi ndogo ya wahudumu wa afya walioathirika. Hata hivyo, matukio ya virusi (superspreading events) yalihusishwa zaidi na usambazaji mkubwa wa SARS na MERS.

Karibu nusu ya visa vya MERS-CoV vilivyorekodiwa nchini Saudi Arabia vilitokana na maambukizi ya pili kupitia watu waliokuwa na dalili au wasiokuwa na dalili. Hivyo basi, hatuwezi kutupilia mbali uwezekano wa matukio kama haya kutokea pia kwa COVID-19.

Kama SARS na MERS, COVID-19 inaweza pia kuathiri mfumo wa kupumua wa chini, lakini mara nyingi huambatana na dalili hafifu. R_0 ya COVID-19 imeripotiwa kuwa kati ya 2.8 na 3.3 kwa ripoti za wakati halisi, na kati ya 3.2 na 3.9 kwa makadirio.

Njia hii ya maambukizi inahitaji kuanzishwa kwa vipimo hasi vya kinyesi kama kigezo cha ziada kabla ya kuwaruhusu wagonjwa kutoka hospitalini, baada ya kuthibitishwa na maabara kuwa wana COVID-19.

Janga hili la COVID-19 halina vipengele vya kipekee zaidi ya virusi vyenye mabadiliko ya kijeni na hifadhi nyingine za uwezekano. Sababu na matokeo yanayoweza kutokea ni kurudia tu yale ya awali katika maambukizi ya virusi vya corona hatari. Tofauti pekee ni muda wa kutokea na upekee wa kijeni wa virusi hivi.

Mabadiliko katika sehemu ya RBD ya virusi vya corona yaliwawezesha kuvamia wenyeji wapya, hivyo kupanua wigo wa ueneaji. Hii ni tishio kwa afya ya wanyama na binadamu.

Utafiti wa kina uliofanywa kwa kutumia mbinu za Bayesian umeonyesha kuwa chanzo kikubwa cha SARS-CoV-2 huenda ni virusi vya corona vinavyofanana na SARS vinavyopatikana katika familia ya popo wa Rhinolophus.

Uchambuzi wa jeni za SARS-CoV-2 umeonyesha uhusiano wa karibu na virusi viwili vya corona kutoka kwa popo vilivyogunduliwa nchini China mwaka 2018: bat-SL-CoVZC45 na bat-SL-CoVZXC21. SARS-CoV-2 imethibitishwa kutumia ACE2 kama kipokezi cha kuingia mwilini na ina RBD inayofanana sana na ile ya SARS-CoV.

Dalili za kawaida za COVID-19 ni pamoja na homa, kikohozi, na kutoa makohozi. Hivyo basi, madaktari wanapaswa kuwa makini na dalili zisizo za kawaida ili kuepuka kukosa utambuzi sahihi.

Uwezo wa awali wa maambukizi ya SARS-CoV-2 ulionekana kuwa sawa au kidogo juu ukilinganishwa na ule wa SARS-CoV, ikimaanisha kwamba ugonjwa huu unaweza kudhibitiwa licha ya uwezo wake wa kusambaa kwa kiwango cha wastani hadi kikubwa.

Ripoti nyingi zinaendelea kuonyesha uwepo wa SARS-CoV-2 katika maji taka na majitaka ya miji, jambo linaloibua hofu kuhusu uwezekano wa maambukizi kupitia njia ya kinyesi-mdomo. SARS-CoV-2 iliyopo kwenye udongo na maji huingia kwenye mifumo ya majitaka na hatimaye kwenye matope ya mitambo ya kusafishia maji.

Kwa hivyo, tunapaswa kupima upya mbinu za sasa za usafishaji wa majitaka na kutumia teknolojia maalum dhidi ya SARS-CoV-2. Kwa kuwa virusi hutolewa kupitia kinyesi, takwimu za maambukizi zinaweza kupatikana kwa kutumia mbinu ya epidemiolojia inayotegemea maji taka.

Hivi majuzi, mbinu ya RT-qPCR ilitumika kuhesabu nakala za RNA za SARS-CoV-2 zilizokusanywa kutoka kwenye maji taka. Hatua hii husaidia kutambua idadi ya watu walioambukizwa.

Dunia nzima inaendelea kuteseka kutokana na janga la SARS-CoV-2, ikiwa na zaidi ya visa 4,170,424 vilivyothibitishwa na vifo 287,399 kote ulimwenguni.

Kuna uhitaji wa haraka wa kampeni ya kimataifa dhidi ya tabia za vyakula visivyo salama nchini China ili kuhamasisha wauzaji kuongeza usafi wa chakula au kufunga masoko ya wanyama walio hai na waliokufa.

Sera za chakula zinapaswa kubadilishwa katika ngazi ya kitaifa na kimataifa ili kuepuka madhara zaidi ya kiafya na kiuchumi yanayoweza kutokea kutokana na mwingiliano wa karibu kati ya binadamu na wanyama.

Ingawa watu wa rika zote na jinsia zote wanaweza kuambukizwa na COVID-19, wazee wenye magonjwa sugu wako katika hatari kubwa ya kupata maambukizi makali.

Hivi majuzi, pia imegunduliwa kuwa watu wasio na dalili (asymptomatic) wanaweza kuwa chanzo cha maambukizi kwa wengine.

Wagonjwa wenye dalili na wasiokuwa na dalili hutengeneza kiasi sawa cha virusi, jambo linaloonyesha kuwa hata watu wasioonyesha dalili wana uwezo mkubwa wa kueneza virusi. Hii inaonyesha kuwa maambukizi yanaweza kutokea mapema katika awamu ya ugonjwa.

Dalili zisizo za kawaida za COVID-19 zimeonekana, ambapo baadhi ya wagonjwa huonyesha uchovu pekee bila homa, kikohozi, au kutoa makohozi.

Serikali ya China inawahamasisha wananchi kuamini kwamba maisha yamerudi kuwa ya kawaida. Hata hivyo, hii inaweza kuwa hatari, kwani tahadhari zilitolewa kwamba watu wanapaswa kuepuka kuwasiliana na wanyama waliokufa au walio hai kadri inavyowezekana, kwa sababu SARS-CoV-2 imeonyesha uwezo wa kuvuka kutoka kwa wanyama hadi kwa binadamu (zoonotic spillover).

Zaidi ya hayo, hatuwezi kupuuza uwezekano wa mabadiliko mapya katika virusi, hasa kutokana na mwingiliano wa karibu kati ya binadamu na wanyama katika masoko.

Katika mwezi wa Januari 2020, China iliweka marufuku ya muda juu ya uuzaji wa wanyama waliokufa au walio hai katika masoko ya wazi. Hata hivyo, mamia ya masoko haya yamefunguliwa tena bila kuboresha viwango vya usalama wa chakula au usafi wa mazingira.

China, being the most populous country in the world, along with its policies on food trade both domestically and internationally, has contributed to a global threat posed by COVID-19. Animal markets do not adhere to strict hygiene standards. Blood is found everywhere—on the floors and tables—and this condition may facilitate the mutation of pathogens, allowing them to jump from animals to humans.

Kutokana na uzoefu wa milipuko ya virusi vilivyowahi kujitokeza, ugonjwa mkali zaidi mara nyingi huwa na uwezo mdogo wa kusambaa. Ukilinganisha na virusi vingine hatari kama Ebola, H7N9 ya ndege, SARS-CoV, na MERS-CoV, SARS-CoV-2 una ukali mdogo lakini unaeneza kwa kiwango cha kati.

Hatari ya kifo kwa watu walioambukizwa na COVID-19 ilikadiriwa kwa kutumia kiwango cha vifo kulingana na maambukizi (IFR), ambapo kiwango hicho kilikuwa kati ya 0.3% na 0.6%, sawa na kile cha janga la mafua ya Asia la mwaka 1957 hadi 1958.

Uchambuzi mpya wa mlolongo wa visa vya awali vya COVID-19 unaonyesha kuwa maambukizi ya mtu kwa mtu yalikuwepo tangu mwanzo. Ingawa inaaminika kuwa mlipuko ulitokana na soko la baharini la Wuhan, kuna ushahidi unaoashiria kuwa virusi huenda vilienea miongoni mwa binadamu kabla ya hapo.

Baada ya maambukizi ya awali, uambukizaji kutoka kwa mtu mmoja hadi mwingine ulithibitishwa, ambapo R_0 ya awali ilikadiriwa kuwa kati ya 1.4 na 2.5. Hivi sasa, imekadiriwa kuwa kati ya 2.24 na 3.58.

Katika utafiti mwingine, idadi ya uzalianaji ya wastani ya SARS-CoV-2 bado haijabainishwa wazi. Uchambuzi wa kundi la kwanza la maambukizi

unaonyesha kuwa watu waliokuwa wameambukizwa walikuwa na chanzo cha pamoja cha maambukizi – soko la samaki la Wuhan, ambalo pia linauza wanyama wa porini kwa matumizi ya binadamu.

Hili soko pia linauza wanyama hai kama ndege, popo, nyoka, na marmoti, jambo linalowezesha maambukizi kutoka kwa wanyama hadi kwa binadamu (kuhamasisha zoonotic).

Ingawa SARS-CoV-2 inadhaniwa kuwa na asili ya mnyama, bado kuna uwezekano wa njia nyingine za maambukizi, kama vile kugusana moja kwa moja na watu walioambukizwa au kugusa maeneo yaliyoshambuliwa.

Aidha, haijulikani iwapo maambukizi yanaweza kutokea kupitia utoaji damu, upandikizaji wa viungo, au hata kupitia ujauzito na kujifungua.

SARS-CoV-2 ni virusi vya kundi la 2B vya corona. Msururu wa jenomu wa SARS-CoV-2 uliochukuliwa kutoka kwa wagonjwa unaonyesha asilimia 79.5 ya kufanana na ule wa SARS-CoV.

Kufikia Mei 13, 2020, kulikuwa na jumla ya visa 4,170,424 vilivyothibitishwa vya COVID-19, pamoja na vifo 287,399, katika zaidi ya nchi 210 kote ulimwenguni (kwa mujibu wa ripoti ya WHO namba 114).

Milipuko wa COVID-19 pia umesababisha madhara makubwa ya kiuchumi duniani kutokana na kusitishwa kwa ghafla kwa biashara na minyororo ya usambazaji. Makampuni ya kimataifa yalilazimika kufanya maamuzi magumu ambayo yalisababisha hasara kubwa za kifedha.

Kuongezeka kwa idadi ya wagonjwa mahututi kumepita uwezo wa huduma za wagonjwa mahututi, jambo ambalo limefanya huduma hizi zipatikane kwa sehemu ndogo tu ya wagonjwa walioko katika hali mbaya. Hali hii inaweza

pia kuwa sababu ya kuongezeka kwa kiwango cha vifo kilichoshuhudiwa wakati wa mlipuko wa COVID-19.

Mtazamo Kuhusu Usambazaji, Uenezaji, na Kuibuka kwa SARS-CoV-2

Virusi hivi vipya vya corona vilitambuliwa ndani ya siku 28 tangu mlipuko uanze, jambo la kuvutia sana ukilinganisha na siku 125 zilizochukua kutambua virusi vya SARS vilivyoripotiwa Foshan, Mkoa wa Guangdong, China.

Mara baada ya kubainika chanzo cha maambukizi, wanasayansi wa Kichina walitoa haraka msururu wa jenomu ya SARS-CoV-2, jambo lililosaidia sana katika kudhibiti uenezaji wa virusi hivi duniani kote.

Chanzo halisi cha SARS-CoV-2 na njia ya kwanza ya maambukizi bado havijabainishwa kwa uhakika.

Tulitumia programu ya MegAlign kupima kiwango cha kufanana kwa asilimia kati ya virusi vipya vya SARS-CoV-2. Ulinganisho ulionyesha kufanana kwa asilimia kati ya 99.4 na 100 kati ya sampuli za SARS-CoV-2.

Miongoni mwa virusi vya Serbecovirus, SARS-CoV-2 inaonyesha kufanana kwa asilimia kubwa zaidi na virusi vya corona vinavyotokana na popo (bat-SL-CoV), ikiwa na asilimia 88.12 hadi 89.65 ya kufanana.

Kwa upande mwingine, SARS-CoV zilizoripotiwa awali zilionyesha kufanana kwa asilimia 70.6 hadi 74.9 na SARS-CoV-2. Aidha, kulikuwa na kufanana kwa asilimia 55.4, 45.5–47.9, 46.2–46.6, na 45.0–46.3 na virusi vya Hibecovirus, Nobecovirus, Merbecovirus, na Embecovirus, mtawalia.

Kiwango hiki cha kufanana kinadhihirisha uhusiano wa karibu kati ya SARS-CoV-2 na bat-SL-CoV, na hivyo kuonyesha asili ya pamoja. Hata hivyo, bado kuna haja ya ushahidi zaidi kupitia uchambuzi kamili wa jenomu ili kutoa hitimisho sahihi.

Tulitumia tena programu ya MegAlign kwa uchanganuzi wa kina wa ulinganifu wa SARS-CoV-2 na virusi vingine.

Matokeo yalionyesha kuwa virusi vipya vya SARS-CoV-2 vina uhusiano wa karibu zaidi na virusi vya bat-SL-CoV (vinavyotoka kwa popo), na yana asilimia 88.12 hadi 89.65 ya kufanana. Kwa kulinganisha, virusi vya awali vya SARS-CoV vinaonyesha kufanana kwa asilimia 70.6 hadi 74.9 tu na SARS-CoV-2.

Hii inaashiria kuwa SARS-CoV-2 ina uhusiano wa karibu sana na virusi vya corona vya popo, na inawezekana kuwa chanzo chake kikuu ni popo. Hata hivyo, inahitajika ushahidi zaidi wa kina wa kijeni

Protini ya N

Protini ya N ya virusi vya corona ina majukumu mengi. Miongoni mwa kazi zake ni:

Kuunda muunganiko na jeni za virusi.

Kuwezesha mwingiliano na protini ya M wakati wa utengenezaji wa chembe za virusi.

Kuongeza ufanisi wa uandishi wa virusi.

Protini hii ina sehemu tatu ambazo zimehifadhiwa kwa kiwango kikubwa.

NTD – hufunga mwisho wa 3’ wa jeni ya virusi kupitia mwingiliano wa kielektroniki.

LKR ni eneo lenye utajiri wa asidi ya amino ya serine na arginine, pia huitwa sehemu ya SR.

CTD – sehemu ya mwisho ya protini.

LKR inaweza kuingiliana moja kwa moja na RNA na inahusika katika kuashiria seli. Pia, hupunguza mwitikio wa kinga wa mwenyeji kwa kutenda kama mpinzani wa interferoni na kuingilia RNA.

Ukilinganisha na SARS-CoV, protini ya N ya SARS-CoV-2 ina mabadiliko matano ya amino asidi, ambapo mawili yapo katika eneo la IDR (nafasi ya 25 na 26), moja katika NTD (nafasi ya 103), moja katika LKR (nafasi ya 217), na moja katika CTD (nafasi ya 334).

Mageuzi ya Kila Mara

Mageuzi ya virusi yanayoendelea kati ya watu yanahitaji kufuatiliwa kwa karibu ili kubaini mabadiliko ya kijeni.

Protini ya M

Protini ya M ni protini ya virusi inayopatikana kwa wingi katika chembe za virusi, na ndiyo inayotoa umbo la ganda la virusi. Inashirikiana na nukleokapsidi na inafanya kazi kama mratibu mkuu wa uundaji wa virusi vya corona.

Protini za M za virusi vya corona zina muundo tofauti wa amino asidi, lakini zinashiriki muundo sawa katika jenasi mbalimbali. Zinajumuisha sehemu

tatu zinazoweza kupenya ukuta wa seli, ambapo upande wa amino uko nje ya virusi na upande wa carboxy uko ndani.

Muundo wa virusi hudumishwa kupitia mwingiliano kati ya protini ya M na M. Haijapatikana mabadiliko ya amino asidi katika protini ya M ya SARS-CoV-2 ikilinganishwa na ile ya SARS-CoV.

Protini ya E

Protini ya E ni ndogo zaidi kati ya protini kuu za muundo. Inatekeleza kazi nyingi, ikiwa ni pamoja na kusababisha ugonjwa, kuunganisha vipengele vya virusi, na kusaidia katika kutolewa kwake nje ya seli.

Ni polipeptidi ndogo za utando wa seli ambazo hufanya kazi kama viroporin (yaani, njia za ioni).

Protini ya S

Protini ya S ya virusi vya corona ni protini kubwa ya darasa la 1, yenye kazi nyingi. Ina ukubwa tofauti, kuanzia amino asidi 1,160 (kwa virusi vya kuku) hadi 1,400 (kwa virusi vya paka). Huwekwa katika mfumo wa tatu juu ya uso wa virusi, na kuipa virusi sura ya taji.

Kazi yake kuu ni kuruhusu virusi kuingia kwenye seli kwa kuingiliana na vipokezi vya seli za mwenyeji.

Protini ya S pia ni kiashiria kikuu cha mfumo wa kinga wa mwenyeji na inaweza kuchochea majibu ya kinga. Ina sehemu mbili kuu:

S1 – Husaidia virusi kushikamana na kipokezi cha seli.

S2 – huchangia katika mchakato wa kufyonza virusi kwenye seli.

S1 inahusisha zaidi sehemu mbili:

NTD (sehemu ya mwanzo ya amino).

CTD (sehemu ya mwisho ya amino acid).

Sehemu zote mbili hushikamana moja kwa moja na vipokezi vya seli. CTD ya S1 ina sehemu inayoshikamana na kipokezi (RBM).

Katika kila protini ya spike, S1 hujipanga juu ya S2.

S Protini ya Glikoli

Hata hivyo, katika kesi za SARS na MERS, paka na ngamia, kwa mtiririko huo, hufanya kazi kama viumbe vinavyohamasisha maambukizi (40, 41).

Kama unahitaji tafsiri zaidi au maelezo ya ziada, nipo hapa kusaidia!

Tuendelee

Tafsiri ya ukurasa wa 23 kwa Kiswahili:

S Protini ya Glikoli

Ujenzi wa jenomu ya koronavirusi na jenomu ndogo huhusisha ORF sita (31). Sehemu kubwa ya mwisho wa 5' inachukuliwa na ORF1a/b, ambayo hutoa NSP 16. Polyproteins mbili, pp1a na pp1ab, hutengenezwa kwanza kutoka ORF1a/b kupitia mabadiliko ya muundo wa -1 kati ya ORF1a na ORF1b (32).

Protini za virusi zinazohusika katika uharibifu wa protini (protini kuu ya protease [Mpro], protease ya aina ya chymotrypsin [3CLpro], na proteasi zinazofanana na papaini [PLPs]) hutenganisha polyproteins kuwa NSP za mtu mmoja mmoja (42). SARS-CoV-2 pia inaweka kanuni za NSP hizi, na kazi zao zimegunduliwa hivi karibuni (31). Kwa kushangaza, tofauti kati ya SARS-CoV-2 na koronavirusi nyingine ni utambuzi wa protini mpya fupi inayoweza kuwepo ndani ya ORF3b, ambayo ni protini iliyotolewa na safu ya alpha helix na beta-sheet yenye nyuzi sita zilizowekwa na ORF8 (31).

Koronavirusi huweka kanuni za protini nne kuu za miundo, ambazo ni: spiki (S), membreni (M), evelopi(E), na neuklopadi(N). Protini hizi zinaelezewa kwa undani hapa chini.

Muundo wa Jenomu

Koronavirusi ni virusi vyenye jenomu isiyo na vipande, yenye mnyororo mmoja wa RNA wenye mwelekeo chanya (positive-sense) na urefu wa takriban kilobesi 30. Jenomu ya SARS-CoV-2 ina urefu wa nukleotidi 29,891, na yaliyomo ya G+C ni 38%. Virusi hivi vimezungukwa na kifuniko chenye nucleocapsid. Nucleocapsid ya koronavirusi hupangwa kwa ulinganifu wa helical, ambayo ni sifa isiyo ya kawaida kwa virusi vya RNA vyenye mwelekeo chanya.

Picha za elektroni za SARS-CoV-2 zinaonyesha umbo la duara lenye tofauti na kiwango fulani cha pleomorphism. Kipenyo cha virioni kinatofautiana kati ya 60 hadi 140 nm, na miiba ina urefu wa kati ya 9 hadi 12 nm, ikitoa virusi hiyo sura ya korona ya jua (3).

Mpangilio wa jenomu ya CoV ni kama ifuatavyo: 5'-kiongozi-UTR-replicase-jeni za miundo (S-E-M-N)-3' UTR-poli(A) (32). Jeni za ziada, kama vile 3a/b, 4a/b, na jeni ya hemagglutinin-esterase (HE), pia zinaonekana zikichanganyika na jeni za miundo (30). SARS-CoV-2 pia imegundulika kuwa na mpangilio sawa na kuweka kanuni za protini kadhaa za ziada, ingawa inakosa HE, ambayo ni sifa ya baadhi ya koronavirusi za Beta (31).

Jenomu yenye mwelekeo chanya ya CoV hutumika kama mRNA na kutafsiriwa kuwa polyprotein 1a/1ab (pp1a/1ab) (33). Tume ya uzalishaji na maandiko (RTC) huundwa katika vesiculi za membrane maradufu (DMVs) na protini zisizo za miundo (nsps), zilizowekwa na jeni ya poliproteni(34). Baadaye, RTC hutengeneza seti iliyojengwa ya RNA ndogo za jenomu (sgRNAs) kupitia maandiko yasiyoendelea (35).

Baadhi ya chaguzi za matibabu kwa ajili ya kutibu COVID-19 zimeonyesha mafanikio katika tafiti za maabara; hata hivyo, hadi sasa, matibabu haya hayajafanyiwa majaribio rasmi ya kliniki kwa kutumia wanyama au binadamu, jambo linalopunguza ufanisi wake katika janga hili la sasa.

Haya ni maelezo kuhusu sifa mbalimbali za virusi vya SARS-CoV-2 vinavyosababisha milipuko ya sasa ya magonjwa, pamoja na maendeleo katika uchunguzi, utengenezaji wa chanjo, na tiba. Pia yanatoa ulinganisho mfupi na virusi vya awali vya SARS na MERS, mtazamo wa kitabibu wa virusi hivi kwa wanyama, tathmini ya uwezo wa kuambukiza kutoka kwa wanyama hadi kwa binadamu, na mapendekezo ya mikakati ya usimamizi kupitia mbinu ya afya moja kwa ajili ya kudhibiti virusi hivi hatari.

Virusi vya corona ni virusi vya RNA vyenye mwelekeo chanya, ambavyo vina uwezo mkubwa wa kuambukiza viumbe hai na vinaweza kushambulia mifumo mbalimbali ya mwili.

Virusi hivi vinaweza kusababisha magonjwa kwa binadamu, kuanzia mafua ya kawaida hadi magonjwa makali ya kupumua kama SARS na MERS. Virusi

vipya vya SARS-CoV-2 vimesababisha madhara makubwa nchini China na kuleta hali ya janga duniani kote.

Zaidi ya hayo, SARS-CoV-2 ni tofauti kwa upande wa vinasaba na SARS-CoV (ikiwa na asilimia 79 ya kufanana) na MERS-CoV (takriban asilimia 50). COVID-19 inahusishwa na matatizo makubwa katika mapafu kwa asilimia kubwa ya wagonjwa na huonyesha picha maalum kwenye vipimo vya CT scan ya kifua, kama vile majeraha mengi kwenye mapafu yanayoonekana kama miwasho ya “glasi iliyofifia,” ambayo mara nyingine huambatana na sehemu zilizoziba kabisa.

Dawa mpya zinazolenga virusi hivi, pamoja na mikakati ya kuzuia milipuko ya baadaye, zinaendelea kuchunguzwa. Dalili za kawaida zinazohusiana na COVID-19 ni pamoja na homa, kikohozi, shida katika kupumua, kutoa makohozi, maumivu ya kichwa, na uchovu au maumivu ya misuli.

Kwa upande mwingine, dalili zisizo za kawaida wakati wa kulazwa hospitalini ni pamoja na kuharisha, kukohoa damu, na kushindwa kupumua. Hivi karibuni, imebainika kuwa watu wasio na dalili pia wanaweza kusambaza virusi, jambo ambalo linaongeza changamoto katika kuelewa mchakato wa maambukizi ya COVID-19.

Ulinganifu wa jenomu kati ya SARS-CoV na SARS-CoV-2 umeonyesha kuwa sehemu ya protini ya spike yenye amino asidi 1,273 ina mabadiliko 27 ya amino asidi. Sita kati ya hayo yako kwenye sehemu ya eneo la kufunga receptor (RBD), na mengine sita yako kwenye sehemu ya chini ya RBD.

Uchambuzi wa kinasaba umebaini kuwa SARS-CoV-2 ina uhusiano wa karibu (asilimia 88 ya kufanana) na virusi viwili vya corona vinavyotokana na popo: bat-SL-CoVZC45 na bat-SL-CoVZXC21.

Virusi vya corona vina uwezo wa kuambukiza viumbe hai wengi na vinaweza kusababisha dalili mbalimbali, kuanzia mafua ya kawaida hadi magonjwa hatari kama SARS, MERS, na sasa COVID-19. SARS-CoV-2 ni mojawapo ya aina saba za virusi vya corona vinavyoweza kuambukiza binadamu, na ni sehemu ya kundi linalojumuisha virusi vinavyosababisha SARS. Hata hivyo, virusi hivi ni vya kipekee katika muktadha wa vinasaba.

Kufikia mwaka 2020, aina sita za virusi vya corona zilijulikana kuambukiza binadamu: HCoV-229E, HCoV-NL63, HCoV-OC43, HCoV-HKU1, SARS-CoV, na MERS-CoV. Baadhi ya virusi hivi vimesababisha milipuko ya vifo vingi, wakati vingine vimesababisha mafua ya kawaida.

Virusi vya corona vinavyoendelea kubadilika vinaweza kuwa tishio kubwa kwa afya ya umma duniani. Kuibuka kwa COVID-19 ni janga la tatu la virusi vya corona kwa binadamu katika kipindi cha miaka 20 iliyopita. Haikuwa bahati mbaya kwamba watafiti walitabiri uwezekano wa kutokea kwa mlipuko wa virusi kama SARS au MERS kutoka China kutokana na maambukizi ya virusi kutoka kwa popo.

COVID-19 ilianza nchini China na kusambaa kwa kasi kote nchini humo, na baadaye kuenea duniani. Kwa sababu ya ukali wa mlipuko huu na uwezo wake wa kusambaa kimataifa, Shirika la Afya Duniani lilitangaza hali ya dharura ya kiafya ya kimataifa mnamo Januari 31, 2020.

Mnamo Machi 11, 2020, Shirika la Afya Duniani (WHO) lilitangaza rasmi kwamba COVID-19 ni janga. Hadi sasa, hatuna tiba madhubuti ya COVID-19, kwani hakuna chanjo zilizothibitishwa wala dawa maalum za virusi vya

corona kwa binadamu zilizopo. Mataifa mengi kwa sasa yanachukua hatua za kuzuia na kudhibiti kuenea kwa virusi hivi hatari kwa kutumia mikakati ya kuzuia na udhibiti.

Kwa wanyama wa kufugwa, maambukizi ya virusi vya corona yanahusiana na aina mbalimbali za magonjwa. Mbali na virusi vya mafua kwa kuku, virusi vya corona vya upumuaji kwa mbwa, na virusi vya ini kwa panya, virusi hivi kwa kawaida husababisha magonjwa ya mfumo wa mmeng'enyo wa chakula.

Kuibuka kwa aina mpya za virusi vya corona kunaweza kusababishwa na uwepo wa aina mbalimbali za virusi hivi miongoni mwa wanyama wa porini. Hali hii huchangia kubadilishana kwa vinasaba na kuibuka kwa virusi vipya vyenye uwezo wa kuvuka mpaka wa spishi.

Virusi vya SARS-CoV-2 vinatumia kipokezi cha ACE2 kuingia mwilini, kama ilivyo kwa SARS-CoV. Mataifa kadhaa yalitoa tahadhari kwa raia wao waliokuwa wakisafiri kuelekea China.

Ikilinganishwa na milipuko ya awali ya virusi vya corona (SARS na MERS), SARS-CoV-2 ilidhaniwa kuwa na uwezo mdogo wa kuambukiza baina ya binadamu. Hii ilitokana na idadi ndogo ya wahudumu wa afya walioathirika. Hata hivyo, matukio ya virusi (superspreading events) yalihusishwa zaidi na usambazaji mkubwa wa SARS na MERS.

Karibu nusu ya visa vya MERS-CoV vilivyorekodiwa nchini Saudi Arabia vilitokana na maambukizi ya pili kupitia watu waliokuwa na dalili au wasiokuwa na dalili. Hivyo basi, hatuwezi kutupilia mbali uwezekano wa matukio kama haya kutokea pia kwa COVID-19.

Kama SARS na MERS, COVID-19 inaweza pia kuathiri mfumo wa kupumua wa chini, lakini mara nyingi huambatana na dalili hafifu. R_0 ya COVID-19

imeripotiwa kuwa kati ya 2.8 na 3.3 kwa ripoti za wakati halisi, na kati ya 3.2 na 3.9 kwa makadirio.

NSPs na Protini za Ziada

Mbali na protini muhimu za kimuundo, jeni la SARS-CoV-2 lina:

NSPs 15, from NSP1 to NSP10 and from NSP12 to NSP16, and

Protini 8 za ziada: 3a, 3b, p6, 7a, 7b, 8b, 9b, i ORF14.

Protini hizi zote zina jukumu maalum katika urudufishaji wa virusi. Tofauti na virusi vya SARS-CoV, SARS-CoV-2 haina protini ya 8a, lakini ina protini ya 8b ndefu zaidi na 3b fupi zaidi. Hakuna mabadiliko ya amino asidi yaliyopatikana katika nsp7, nsp13, envelope, membrane, na protini za ziada za p6 na 8b.

Muundo wa virusi vya SARS-CoV-2 umeonyeshwa katika Mchoro wa 2.

Mwanzoni, China ilikabiliwa na mzigo mkubwa wa COVID-19, ikiwa na kiwango cha juu cha maambukizi na vifo. Hata hivyo, baada ya muda, tishio

la COVID-19 lilihamia Ulaya, hasa nchini Italia na Uhispania, na baadaye Marekani ikawa na visa vingi zaidi.

Katika utafiti mmoja, wastani wa idadi ya uzalianaji wa COVID-19 (R_0) ulipatikana kuwa 3.28, kiwango cha juu zaidi kuliko makadirio ya awali ya WHO ya 1.4 hadi 2.5. Ingawa bado ni mapema kupata thamani kamili ya R_0, ongezeko hili linaashiria uwezo mkubwa wa SARS-CoV-2 kuenea kwa watu walio katika hatari.

Hii si mara ya kwanza ambapo mila za upishi za China zimehusishwa na chanzo cha maambukizi mapya ya virusi vya corona kwa binadamu. Hapo awali, wanyama waliokuwa kwenye masoko ya wanyama hai walitambuliwa kama waenezaji wa kati wa mlipuko wa SARS nchini China.

Aina mbalimbali za wanyamapori zimepatikana kuwa na virusi vya corona vinavyoendelea kubadilika na kuvuka kizuizi cha spishi. Katika utamaduni wa vyakula wa Kichina, wanyama waliouwawa wakiwa hai huchukuliwa kuwa na lishe bora zaidi.

Baada ya miezi minne ya mapambano (Desemba 2019 hadi Machi 2020), hali ya COVID-19 nchini China ilionekana kuwa chini ya udhibiti. Masoko ya wanyama hai yalifunguliwa tena, na watu walianza kununua popo, mbwa, paka, ndege, nge, sungura, pangolini, bata, samaki, na hata mamba wa Siama.

Virusi vya SARS-CoV-2 vinatumia kipokezi cha ACE2 kuingia mwilini, kama ilivyo kwa SARS-CoV. Mataifa kadhaa yalitoa tahadhari kwa raia wao waliokuwa wakisafiri kuelekea China.

Ikilinganishwa na milipuko ya awali ya virusi vya corona (SARS na MERS), SARS-CoV-2 ilidhaniwa kuwa na uwezo mdogo wa kuambukiza baina ya binadamu. Hii ilitokana na idadi ndogo ya wahudumu wa afya walioathirika. Hata hivyo, matukio ya virusi (superspreading events) yalihusishwa zaidi na usambazaji mkubwa wa SARS na MERS.

Karibu nusu ya visa vya MERS-CoV vilivyorekodiwa nchini Saudi Arabia vilitokana na maambukizi ya pili kupitia watu waliokuwa na dalili au wasiokuwa na dalili. Hivyo basi, hatuwezi kutupilia mbali uwezekano wa matukio kama haya kutokea pia kwa COVID-19.

Kama SARS na MERS, COVID-19 inaweza pia kuathiri mfumo wa kupumua wa chini, lakini mara nyingi huambatana na dalili hafifu. R_0 ya COVID-19 imeripotiwa kuwa kati ya 2.8 na 3.3 kwa ripoti za wakati halisi, na kati ya 3.2 na 3.9 kwa makadirio.

Njia hii ya maambukizi inahitaji kuanzishwa kwa vipimo hasi vya kinyesi kama kigezo cha ziada kabla ya kuwaruhusu wagonjwa kutoka hospitalini, baada ya kuthibitishwa na maabara kuwa wana COVID-19.

Janga hili la COVID-19 halina vipengele vya kipekee zaidi ya virusi vyenye mabadiliko ya kijeni na hifadhi nyingine za uwezekano. Sababu na matokeo yanayoweza kutokea ni kurudia tu yale ya awali katika maambukizi ya virusi vya corona hatari. Tofauti pekee ni muda wa kutokea na upekee wa kijeni wa virusi hivi.

Mabadiliko katika sehemu ya RBD ya virusi vya corona yaliwawezesha kuvamia wenyeji wapya, hivyo kupanua wigo wa ueneaji. Hii ni tishio kwa afya ya wanyama na binadamu.

Utafiti wa kina uliofanywa kwa kutumia mbinu za Bayesian umeonyesha kuwa chanzo kikubwa cha SARS-CoV-2 huenda ni virusi vya corona vinavyofanana na SARS vinavyopatikana katika familia ya popo wa Rhinolophus.

Uchambuzi wa jeni za SARS-CoV-2 umeonyesha uhusiano wa karibu na virusi viwili vya corona kutoka kwa popo vilivyogunduliwa nchini China mwaka 2018: bat-SL-CoVZC45 na bat-SL-CoVZXC21. SARS-CoV-2 imethibitishwa kutumia ACE2 kama kipokezi cha kuingia mwilini na ina RBD inayofanana sana na ile ya SARS-CoV.